



**Universidade:  
presente!**

**UFRGS**  
PROPEAQ



**XXXI SIC**

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2019
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Utilização da taxonomia integrativa para elucidação dos taxa pertencentes à Hymenochaetaceae (Basidiomycota)
<b>Autor</b>	CAROLINE PORMANN PITT
<b>Orientador</b>	ROSA MARA BORGES DA SILVEIRA

## **Utilização da taxonomia integrativa para elucidação dos taxa pertencentes à Hymenochaetaceae (Basidiomycota)**

**Nome:** Caroline Pormann Pitt

**Orientadora:** Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Rosa Mara B. da Silveira

**Universidade Federal do Rio Grande do Sul**

A família Hymenochaetaceae abrange diversas morfologias fúngicas e, dentro dela, encontramos os organismos poliporoides. Atualmente, a família vêm enfrentando desafios em relação à determinação dos gêneros, pois o principal caractere de distinção é o sistema hifal, no qual é necessário realizar a dissecação, o que dificulta sua identificação. Com o avanço da biologia molecular, ainda assim, a classificação do grupo continua confusa por falta de caracteres morfológicos distintivos. Por isso, se faz necessária uma integração dos dados macro e micromorfológicos, ecológicos e de filogenia molecular, para que dessa forma possamos obter uma classificação mais concisa e natural dos organismos. As espécies da família se caracterizam por possuírem basidiomas perenes a sazonais, podendo ser pileados, ressupinados ou efuso-reflexos, com basidiósporos globosos, elipsóides a cilíndricos. O objetivo deste trabalho é esclarecer melhor as relações filogenéticas dos taxa utilizando como ferramenta a taxonomia integrativa. As coletas foram realizadas nos estados do MT, BA, PR, SC e RS. A partir das análises morfológicas, foram mensurados os poros, setas, quando presentes e basidiósporos em água, KOH 3% e reagente de Melzer. Foi realizada também a observação do sistema hifal através da dissecação das hifas, no contexto e nos tubos, separadamente, em NaOH 3%. A partir desses dados, foram corridas chaves dicotômicas para uma prévia elucidação do gênero. Em seguida, amplificamos regiões do DNA já comumente utilizadas para o estudo da família. Três conjuntos de dados foram montados, de nrITS e nrLSU tanto separados como combinados, e utilizados para as reconstruções filogenéticas. As filogenias foram geradas através das análises de Verossimilhança Máxima e Análise Bayesiana. Foram analisados 118 espécimes, sendo que alguns resultados obtidos a partir das análises morfológicas e com chaves dicotômicas divergiram dos resultados obtidos através das análises filogenéticas moleculares. Muitos deles foram encontrados proximamente relacionados a espécies de gêneros recentemente publicados, como *Arambarria*, *Neomensularia*, *Phellinotus* e *Tropicoporus*. Esse resultado reafirma a importância da compilação de dados morfológicos, ecológicos e genéticos através da taxonomia integrativa para uma melhor elucidação dos taxa. E, assim, conhecer melhor a diversidade dos organismos, assim como sua importância e relação com o ambiente em que estão inseridos.